转 *cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* 基因籼稻对稻田节肢动物群落影响

刘志诚[1]，叶恭银[1*]，胡 萃[1]，Swapan K. DATTA[2]
（1. 浙江大学应用昆虫学研究所，杭州 310029；2. 国际水稻研究所，菲律宾）

摘要：将稻田节肢动物群落按营养关系划分为5个功能团，即植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类，从功能团优势度、功能团内科组成及其优势度、群落主要参数及群落相异性等方面，经两年四点的调查就2个转 *cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* 基因籼稻（*Bt* 水稻）品系 TT9-3 和 TT9-4 对稻田节肢动物群落的影响作了较系统评价。植食类、寄生类和腐食类功能团内某些优势科的优势度在 *Bt* 水稻田与对照（IR72）田之间有时呈显著或极显著差异，如 *Bt* 水稻田中茧蜂或姬蜂科的优势度有时明显低于对照。但是，在大多情况下 *Bt* 水稻田与对照田之间功能团优势度、功能团内科组成及其优势度、群落主要参数（物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数、优势集中性指数）及其时间动态基本无明显差异；*Bt* 水稻田与对照田间植食类、寄生类、捕食类亚群落和整个节肢动物群落的相异性大多较低。可见，*Bt* 水稻对稻田节肢动物群落基本无明显的负面影响。

关键词：*Bt* 水稻；*cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* 基因；节肢动物；功能团；群落
中图分类号：Q968　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：0454-6296（2003）04-0454-12

Impact of transgenic *indica* rice with a fused gene of *cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* on the rice paddy arthropod community

LIU Zhi-Cheng[1]，YE Gong-Yin[1*]，HU Cui[1]，Swapan K DATTA[2]（1. Institute of Applied Entomology，Zhejiang University，Hangzhou 310029，China；2. International Rice Research Institute，DAPO Box 7777，Metro Manila，Philippines）

Abstract: The community of arthropods in rice paddy was divided on the basis of nutritional relationships into five guilds，*i*. *e*.，phytophages，parasitoids，predators，detritivores and others，and the effects of two *indica* lines（TT9-3 and TT9-4）of transgenic *Bacillus thuringiensis* rice（*Bt* rice）with a fused gene of *cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* on this community were investigated and evaluated in terms of guild dominance，family composition and dominance，as well as the usual indices，at four locations for two years. The control community was that of an untransformed（IR72）rice crop. Significant differences in the dominance of some superior families in phytophagous，parasitoid and detritivorous guilds were found between *Bt* rice plots and the control. For example，the dominance of the Braconidae and Ichneumonidae in *Bt* rice plots was sometimes markedly lower than in the control. In most cases，however，there were no significant differences in guild dominance，family composition and dominance or common community indices such as species richness，Shannon-Wiener diversity index，evenness index and dominance index. The temporal dynamics of *Bt* rice plots and the control were also similar. Meanwhile，most of the dissimilarities between phytophagous sub-communities，parasitoid sub-communities，predator sub-communities and arthropod communities as a whole in *Bt* rice plots and the control were apparently low. It was apparent that planting of *Bt* rice generally did not have any marked negative effect on the rice paddy arthropod community.

Key words: *Bt* rice；*cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* gene；arthropod；guild；community

稻螟虫是世界性主要水稻害虫，据估计每年因　　其为害而造成的产量损失可达100亿公斤（Herdit，

基金项目：国家重大基础研究973项目（001CB109004）；国家自然科学基金项目（39970507）；教育部全国优秀博士学位论文专项基金（199944）
作者简介：刘志诚，男，1968年1月生，湖北应城人，博士，研究方向为动物生态学，现工作于上海交通大学农学院
*通讯作者 Author for correspondence，E-mail：chu@zju.edu.cn
收稿日期 Received：2002-11-12；接受日期 Accepted：2003-04-17

1991）。为了安全、有效地控制其为害，20 世纪 90 年代以来，国内外已有不少学者先后开展了转 *Bt* 基因抗虫水稻（*Bt* 水稻）的培育研究，并获得了不少抗虫效果好的籼稻、粳稻或杂交稻恢复系等材料（叶恭银等，1998；Datta *et al*.，1998；Tu *et al*.，1998；Tu *et al*.，2000），而且有些已进入田间试验（Shu *et al*.，2000；Tu *et al*.，2000；Ye *et al*.，2001a，b）。稻田节肢动物群落是一个以水稻为中心，多种植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类的节肢动物通过食物链的物质流和化学通讯的信息流而发生相互关系并共存的复杂网络系统。在这复杂的网络系统中，任何营养层物种组成或数量的变化，都有可能通过网络中的物质流或信息流对其它营养层产生直接或间接的影响。因此，当 *Bt* 水稻引入稻田生态系统中，因其对第二营养层植食类鳞翅目昆虫如螟虫的高效致死作用，以及本身物理性状、农艺性状、营养物质、挥发性和非挥发性次生化合物可能发生非预期变化，即有可能对各营养层的各类节肢动物种类组成、数量与发生动态等产生非预期的影响，这些影响可能使稻田生态系统中节肢动物群落结构发生变化。目前，就其它转基因抗虫作物如 *Bt* 玉米（Obryckio *et al*.，2001）、*Bt* 棉花（Wilson，1992；崔金杰和夏敬源，1998，2000；邓曙东等，2003）、*Bt* 马铃薯（Riddick and Barbosa，1998），以及转 *GNA* 基因马铃薯（Birch *et al*.，1999；Down *et al*.，2000）能否产生这些影响，已有一定的探讨。但除崔金杰和夏敬源（2000）就 *Bt* 棉花对昆虫群落影响作了研究外，大多还处于就转基因抗虫作物对数种主要天敌生物学特性或种群数量有否影响的评价，而缺乏从群落水平全面的系统评价。就 *Bt* 水稻而言，除我们就 *Bt* 水稻对非靶标害虫和蜘蛛优势种田间种群动态的影响作了评价（刘志诚等，2002）外，尚乏其它研究与评价。因此，我们就 *Bt* 水稻在不同稻田生态系统中对节肢动物群落功能团组成与结构有否影响作了两年四点的系统调查与研究，现将结果报告如下。

1 材料与方法

1.1 供试水稻

供试材料系转 *Bt* 基因籼稻纯合品系 TT9-3 和 TT9-4，两者均采用微粒轰击法培育获得，含 *cry1Ab*/*cry1Ac* 杂合基因和 *actin* Ⅰ启动子，室内和田间条件下对稻螟虫和稻纵卷叶螟 *Cnaphalocrocis medinalis* 表现高抗（Tu *et al*.，1998；Ye *et al*.，2001b）。对照为非转基因亲本籼稻品种 IR72。

1.2 试验设计和调查方法

2000～2001 年在浙江省选取三地四个试验地点，建立国家农业部批准的 *Bt* 水稻中间试验圃。按转基因作物安全管理要求，试验圃四周设置有溪沟、蔬菜田或生育期与 *Bt* 水稻不一致的水稻田用作自然隔离带。在杭州设有两点，即浙江大学实验农场水稻区（杭州Ⅰ）和蔬菜区（杭州Ⅱ，无水稻种植史），试验连续进行两年，同一田块中设 3 个小区，每小区面积为 333 m^2，供试品系为 TT9-3 和 TT9-4，对照设于 *Bt* 水稻小区间。2000 年在安吉县种植 TT9-3 和对照，小区面积为 500 m^2。2001 年在建德市种植 TT9-3、TT9-4 及对照，计 3 个小区，小区面积为 500 m^2，对照介于 *Bt* 水稻小区间。各试验点，播种与移栽时间、肥水管理按常规操作，各小区分别单本移栽各自的品系（种）。移栽后在水稻整个生育期内，各试验点严格控制并不施任何农药。移栽后 30 d 开始，每 15 d 取样调查一次，至水稻收割前 10 d 左右，共计取样 5～7 次。每区采用对角线法选取五点，用采样框（0.5 m×0.5 m×0.9 m）罩住，然后用参照刘雨芳等（1999）改装的吸虫器采集取样。取样后立即用 75% 的酒精保存，携回室内后，除去杂物，挑出节肢动物，再用 80% 酒精保存。然后进行鉴定和计数。常见者尽可能鉴定到种，其它鉴定至科。

1.3 功能团的划分与群落参数分析

参照郝树广等（1998）、Heong 等（1991）和 Schoenly 等（1998），将稻田节肢动物按营养关系划分为 5 个功能团，即植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类，再分析各功能团优势度，即某功能团的个体总数占调查得所有节肢动物个体总数的百分率。同时分析各功能团内科的优势度，即，科优势度（%）=（N_i/N）×100%，式中，N_i 为功能团内第 i 科的个体总数，N 为该功能团内的个体总数。采用 Kolmogorov-Smirnov 检验（金丕焕，1993）比较各功能团内科组成及其优势度分布在 *Bt* 水稻田与对照田之间的差异性，当两者间累计优势度百分数最大差值的绝对值 D 分别大于 $D_{0.05} = 1.36\sqrt{(n_1+n_2)/n_1n_2}$ 和 $D_{0.01} = 1.63\sqrt{(n_1+n_2)/n_1n_2}$ 时，示差异各达显著（$P<0.05$）和极显著（$P<0.01$）水平，其中 n_1、n_2 各为 *Bt* 水稻田与对照田的某功能团的个体总数。以 χ^2 检验，比较 *Bt* 水稻

田和对照田间各功能团及其科的优势度，当 χ^2 大于 $\chi^2_{0.05} = 3.841$ 和 $\chi^2_{0.01} = 6.635$ 时，示差异各达显著（$P < 0.05$）和极显著（$P < 0.01$）水平。

以科为单位，参照丁岩钦（1994）分别计算 *Bt* 水稻田和对照田节肢动物群落的有关参数，并分析 *Bt* 水稻田与对照田间群落的相异性。有关计算公式如下，Shannon-Wiener 多样性指数（H'）$= -\sum_{i=1}^{s} p_i \ln p_i$，式中，$p_i = \frac{N_i}{N}$，$S$ 为群落中的科数；p_i 系群落中第 i 科的个体总数（N_i）占群落中总个体数（N）的比例；均匀性指数（J）：$J = \frac{H'}{H'_{max}}$ 式中，H' 为 Shannon-Wiener 多样性指数，H'_{max} 为 H' 的最大理论值，即假定群落内各个物种均以相同比例存在时的 H' 值；Simpson 优势集中性指数（C）：$C = \sum_{i=1}^{s}\left(\frac{N_i}{N}\right)^2$，式中，$N_i$ 为第 i 科的个体总数，N 为群落的个体总数。群落的相异性测度采用 Bray-Curtis 距离系数（B）计算，$B = \frac{\sum_{i=1}^{n} |x_{ij} - x_{ik}|}{\sum_{i=1}^{n} |x_{ij} + x_{ik}|}$ 式中，n 为样本的科总数；x_{ij}，x_{ik} 为样本 j 和样本 k 中第 i 科的个体数。上述各参数计算均采用 DPS 软件（唐启义等，1997）进行。

2 结果

2.1 功能团组成及其优势度

两年四点调查，共获节肢动物个体 37 783 头，隶属 12 目 82 科，归属 5 个功能团。植食类，计 7 目 26 科昆虫，其中常见的有白背飞虱 *Sogatella furcifera*、褐飞虱 *Nilaparvata lugens*、黑尾叶蝉 *Nephotettix cincticeps*、二化螟 *Chilo suppressalis* 和稻纵卷叶螟；寄生类，计 2 目 15 科昆虫，常见为茧蜂和金小蜂；捕食类，计 7 目 28 科昆虫或蜘蛛，常见的有拟水狼蛛 *Pirata subpiraticus*、食虫沟瘤蛛 *Ummeliata insecticeps*、锥腹肖蛸 *Tetragnatha maxillosa* 和黑肩绿盲蝽 *Cyrtorrhinus lividipnnis*；腐食类，计 3 目 8 科昆虫，常见有鳞跳虫、圆跳虫或蠓；其它类，计 1 目 5 科，常见有蚊和摇蚊。

就各功能团的优势度而言，在杭州 *Bt* 水稻（TT9-3 或 TT9-4）田与对照田的调查结果如表 1 所示。安吉 TT9-3 田的植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类的优势度各为 10.78%、3.12%、19.82%、7.92%和 58.35%；对照田各为 12.18%、2.13%、19.60%、4.65%和 61.43%；建德 TT9-3 田各为 20.32%、0.35%、18.64%、4.01%和 56.68%，TT9-4 田各为 22.71%、0.56%、22.85%、2.69%和 51.19%；对照田各为 25.68%、0.51%、17.63%、5.39%和 50.85%。两年四点的结果经 χ^2 检验表明，*Bt* 水稻田的各功能团优势度与对照相比均无显著差异（$P > 0.05$）。

表 1 *Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物功能团的优势度（%）比较

Table 1 Guild dominance（%）in the arthropod community of *Bt*（TT9-3 and TT9-4）and control rice plots

年份 Year	功能团 Guild	杭州Ⅰ HangzhouⅠ			杭州Ⅱ HangzhouⅡ		
		TT9-3	TT9-4	CK	TT9-3	TT9-4	CK
2000	植食类 phytophages	55.96	62.96	56.25	39.77	38.03	35.80
	寄生类 parasitoids	1.52	0.87	2.00	6.49	6.28	7.23
	捕食类 predators	25.89	21.13	21.88	14.72	18.39	16.58
	腐食类 detritivores	3.89	2.71	2.61	5.81	5.74	8.64
	其它 others	12.74	12.32	17.27	33.21	31.57	31.57
2001	植食类 phytophages	54.27	55.00	53.13	50.21	47.41	48.62
	寄生类 parasitoids	2.30	2.18	2.49	8.11	6.08	8.38
	捕食类 predators	15.66	15.91	16.05	31.76	29.67	27.45
	腐食类 detritivores	10.75	11.02	14.20	4.97	7.63	9.81
	其它 others	17.02	16.11	14.09	7.40	7.26	5.73

2.2　功能团内科组成及其优势度

功能团内科组成及其优势度，因试验地点不同而有所区别，其中杭州点Ⅰ的各功能团内科组成及其优势度如图 1～4 所示。其它点各功能团内科组成与杭州Ⅰ相比除大部分相同外，有的尚多了数个其它科，或缺某些科。例如，杭州Ⅱ的植食类还有蟋蟀科 Gryllidae、锥头蝗科 Pyrgomorphidae、盲蝽科 Miridae 和瓢甲科 Coccinellidae，而缺蚤蝼科 Tridactylidae；寄生类还有蚜小蜂科 Aphelinidae，而缺赤眼蜂科 Trichogrammatidae 和头蝇科 Pipunculidae；捕食类还有蜻科 Libellulidae 和栅蛛科 Hahniidae，而缺蟌科 Coenagrionidae 和草蛉科 Chrysopidae；腐食类还有水龟甲科 Hydrophilidae；其它类还有叶蝇科 Milichiidae。安吉的植食类还有蟋蟀科和瓢甲科，而缺螽蟖科 Tettigoniidae、剑角蝗科 Acrididae、蚤蝼科和水虻科 Stratiomyidae；寄生类缺环腹瘿蜂科 Figitidae、小蜂科 Chalcididae、扁股小蜂科 Elasmidae 和头蝇科；捕食类还有猫蛛科 Oxyopidae，而缺负子蝽科 Belostomatidae、蜍蝽科 Ochteridae、姬蝽科 Nabidae、花蝽科 Anthocoridae、草蛉科、沼蝇科 Sciomyzidae 和食蚜蝇科 Syrphidae；其它类缺叶蝇科、果蝇科 Drosophilidae 和麻蝇科 Sarcophagidae。建德的植食类还有蟋蟀科和瓢甲科，而缺螽蟖科、斑腿蝗科 Catantopidae、剑角蝗科、蚤蝼科、叶甲科 Chrysomelidae、实蝇科 Tephritidae、花蝇科 Anthomyzidae 和水虻科；寄生类缺环腹瘿蜂科、小蜂科、扁股小蜂科和头蝇科；捕食类缺蟌科、宽肩蝽科 Veliidae、负子蝽科、蜍蝽科、猎蝽科 Reduviidae、草蛉科、

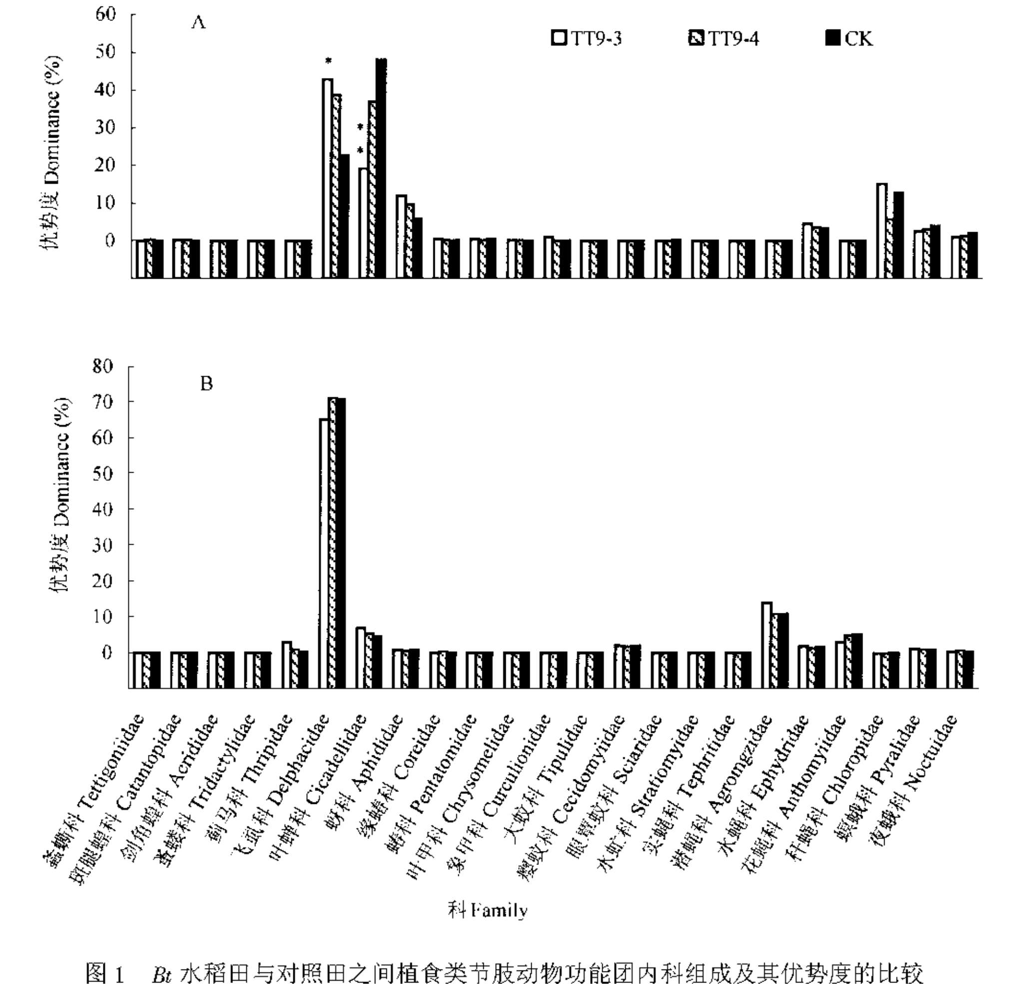


图 1　*Bt* 水稻田与对照田之间植食类节肢动物功能团内科组成及其优势度的比较

Fig. 1　Family composition of the phytophagous arthropod guild and their relative dominance in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots (Hangzhou Ⅰ)

A：2000；B：2001.

*，** 示 TT9-3 或 TT9-4 与对照差异分别达显著（$P<0.05$）和极显著（$P<0.01$）水平（χ^2 检验）。图 2－4 同。*，** Showing significant differences between TT9-3 or TT9-4 and the control at $P<0.05$ and $P<0.01$, respectively (χ^2 test). The same for Figs. 2－4.

瓢甲科、食蚜蝇科、蚁科 Formicidae 和圆蛛科 Araneidae；腐食类缺粪蚊科 Scatopsidae；其它类缺果蝇科和麻蝇科。相比之下，安吉和建德功能团内科组成较简单，这可能是当地农村长期使用化学农药较多所致。尽管各试验点的功能团组成有一定差异，但各点各功能团内科组成及其优势科在 *Bt* 水稻田与对照田相比一般均无明显差异，且不同点的优势科是基本相同的，即植食类多以飞虱科和叶蝉科为主；寄生类多以金小蜂科、茧蜂科、姬蜂科或分盾细蜂科为主；捕食类中蜘蛛多以肖蛸科、狼蛛科和皿蛛科为优势，昆虫以盲蝽科为主；腐食类以鳞跳虫科、圆跳虫科或蠓科为主；其它类以蚊科和摇蚊科为主。

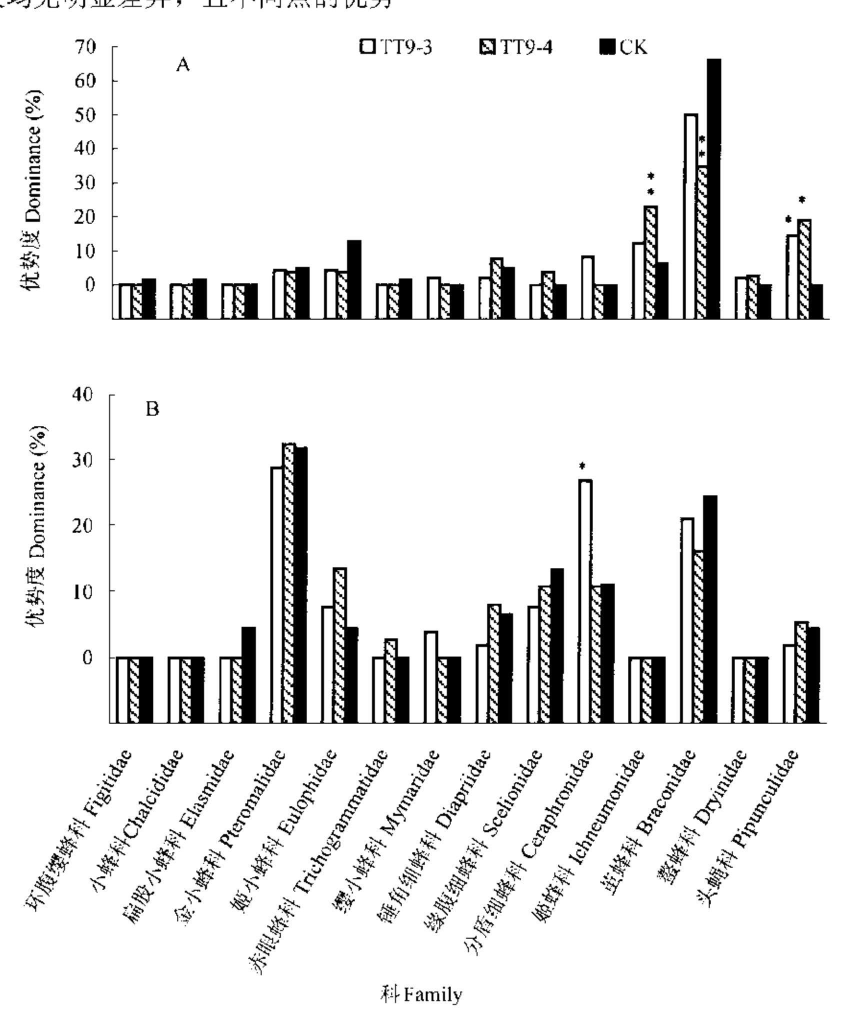


图2 *Bt* 水稻田与对照田之间寄生类节肢动物功能团内科组成及其优势度的比较

Fig. 2 Family composition of the parasitoid arthropod guild and their relative dominance in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control (Hangzhou Ⅰ) rice plots

Kolmogorov-Smirnov 检验结果表明，在 *Bt* 水稻田与对照田之间各功能团内科组成及其优势度分布大多均无显著差异，其中杭州点Ⅰ、Ⅱ的比较如表2所示。在安吉，TT9-3 田植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类的科优势度分布与对照田相比的 D 值分别为 0.068（$P > 0.05$）、0.191（$P > 0.05$）、0.043（$P > 0.05$）、0.119（$P > 0.05$）、0.132（$P < 0.01$），即仅其它类在 *Bt* 水稻田与对照田之间有极显著差异。在建德，TT9-3 田植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类的各科优势度分布与对照田相比的 D 值分别为 0.026（$P > 0.05$）、0.111（$P > 0.05$）、0.013（$P > 0.05$）、0.099（$P > 0.05$）、0.046（$P < 0.05$），TT9-4 田 D 值依次为 0.057（$P > 0.05$）、0.150（$P > 0.05$）、0.097（$P < 0.01$）、0.130（$P > 0.05$）、0.028（$P > 0.05$），即仅捕食类或其它类在 *Bt* 水稻田与对照田之间有显著或极显著差异。

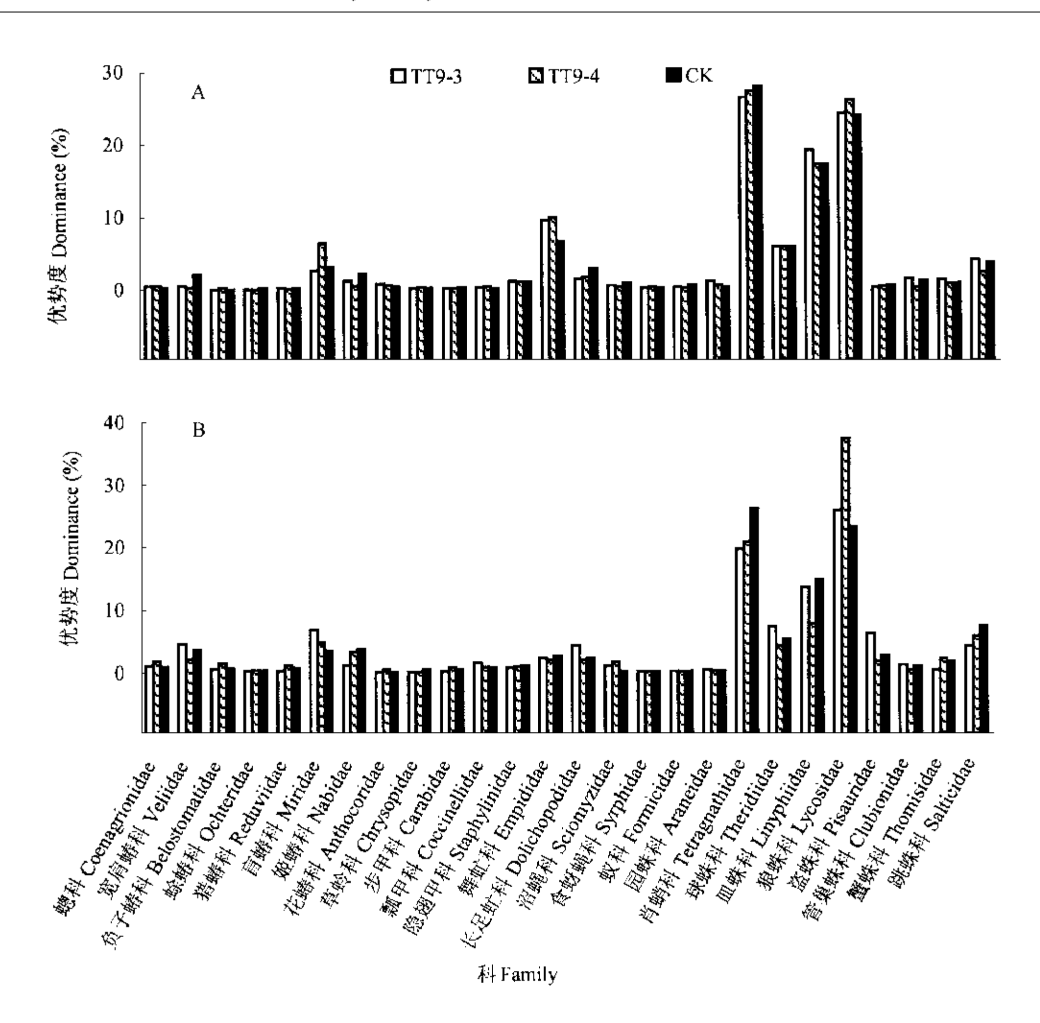


图 3　*Bt* 水稻田与对照田之间捕食类节肢动物功能团内科组成及其优势度的比较

Fig. 3　Family composition of the parasitoid arthropod guild and their relative dominance in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control (Hangzhou 丄) rice plots

就各功能团内优势科的优势度而言，植食类、捕食类和其它类优势科的优势度除个别年份或个别点外，大多情况下在 *Bt* 水稻田与对照田之间则无显著差异（图 1，3，4；表 3）。相比之下，寄生类的姬蜂科、茧蜂科、金小蜂科和分盾细蜂科的优势度在 *Bt* 水稻田与对照田之间有差异，甚至有时 *Bt* 水稻田中的优势度显著或极显著低于对照田（图 2；表 3）；腐食类的鳞跳虫科、圆跳虫科和蠓科的优势度在 *Bt* 水稻田与对照田之间有时也有显著或极显著差异（图 4；表 3）。

2.3　群落参数及其时间动态

在杭州，*Bt* 水稻田（TT9-3 或 TT9-4）与对照田的节肢动物群落主要参数，即物种（科）丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数、优势集中性指数如表 4 所示。在安吉，TT9-3 稻田各参数值各为 51、3.17、0.56、0.21，对照田各为 54、2.94、0.51 和 0.28；建德 TT9-3 田各参数值各为 41、2.62、0.49、0.29，TT9-4 田各为 45、2.76、0.50、0.26，对照田各为 36、2.75、0.53、0.24。可见，物种丰富度除建德点外，*Bt* 水稻田的物种数比对照少 1 ~ 4 种；而 Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数和优势集中性指数在 *Bt* 水稻田与对照田间差异则不明显。

就物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数、均匀性指数和优势集中性指数的时间动态趋势而言，在 *Bt* 水稻田与对照田间除个别时间有差异外，大多无明显差异（图 5 ~ 6）。

2.4　节肢动物群落相似性

在杭州，*Bt* 水稻田（TT9-3 或 TT9-4）节肢动物群落与对照田间的 Bray-Curtis 距离系数如表 5 所示。在安吉，TT9-3 田植食类、寄生类、捕食类亚群落，及整个节肢动物群落与对照田之间的 Bray-Curtis 距离系数各为 0.15、0.33、0.08、0.15；在建德，TT9-3 田各系数分别为 0.10、0.24、0.15、

0.09，TT9-4 田各为 0.13、0.32、0.14、0.09。综合得知，植食类、寄生类、捕食类亚群落，及整个节肢动物群落相异性指数范围分别为 0.04～0.32，0.16～0.62，0.08～0.23 和 0.09～0.25。可见，除杭州Ⅰ点 2000 年 TT9-4 田的寄生类亚群落与对照田之间相异性较高外，*Bt* 水稻田与对照田之间植食类、寄生类和捕食类亚群落，及整个节肢动物群落的 Bray-Curtis 距离系数大多较低，即两者间相似性较高。就各亚群落间相比，*Bt* 水稻田与对照田之间相异性，则多以寄生类亚群落为高。

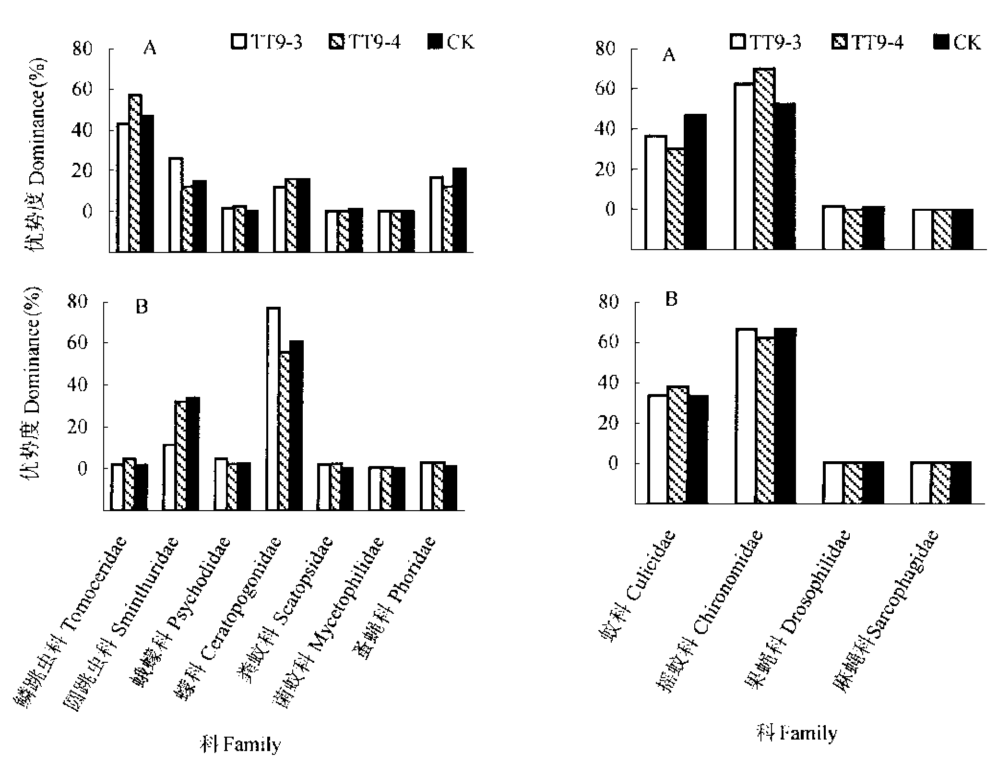


图4 *Bt* 水稻田与对照田之间腐食类（左）和其它类（右）节肢动物功能团内科组成及其优势度的比较

Fig. 4 Family composition of the detritivore (left) and other (right) arthropod guild and their relative dominance in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control (Hangzhou Ⅰ) rice plots

表2 *Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物功能团内科组成及其优势度分布的差异（*D* 值，Kolmogorov-Smirnov 检验）

Table 2 Differences in the family composition of arthropod guilds and their dominance distributions between *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots (*D* value, Kolmogorov-Smirnov test)

功能团 Guild	2000				2001			
	杭州Ⅰ Hangzhou Ⅰ		杭州Ⅱ Hangzhou Ⅱ		杭州Ⅰ Hangzhou Ⅰ		杭州Ⅱ Hangzhou Ⅱ	
	TT9-3	TT9-4	TT9-3	TT9-4	TT9-3	TT9-4	TT9-3	TT9-4
植食类 phytophages	0.202**	0.163**	0.047	0.034	0.033	0.011	0.105*	0.034
寄生类 parasitoids	0.128	0.185	0.152	0.058	0.118	0.112	0.129	0.177
捕食类 predators	0.029	0.042	0.061	0.052	0.037	0.128*	0.069	0.055
腐食类 detritivores	0.096	0.121	0.113	0.106	0.227**	0.046	0.252*	0.257*
其它 others	0.102	0.165**	0.117**	0.027	0.001	0.046	0.057	0.105

*，** 示 TT9-3 或 TT9-4 功能团内科组成及其优势度分布与对照之间差异分别达显著（$P < 0.05$）或极显著差异（$P < 0.01$）（Kolmogorov-Smirnov 检验）Showing significant differences in the family composition of arthropod guilds and their dominance distributions between TT9-3 or TT9-4 and the control at $P < 0.05$ and $P < 0.01$, respectively.

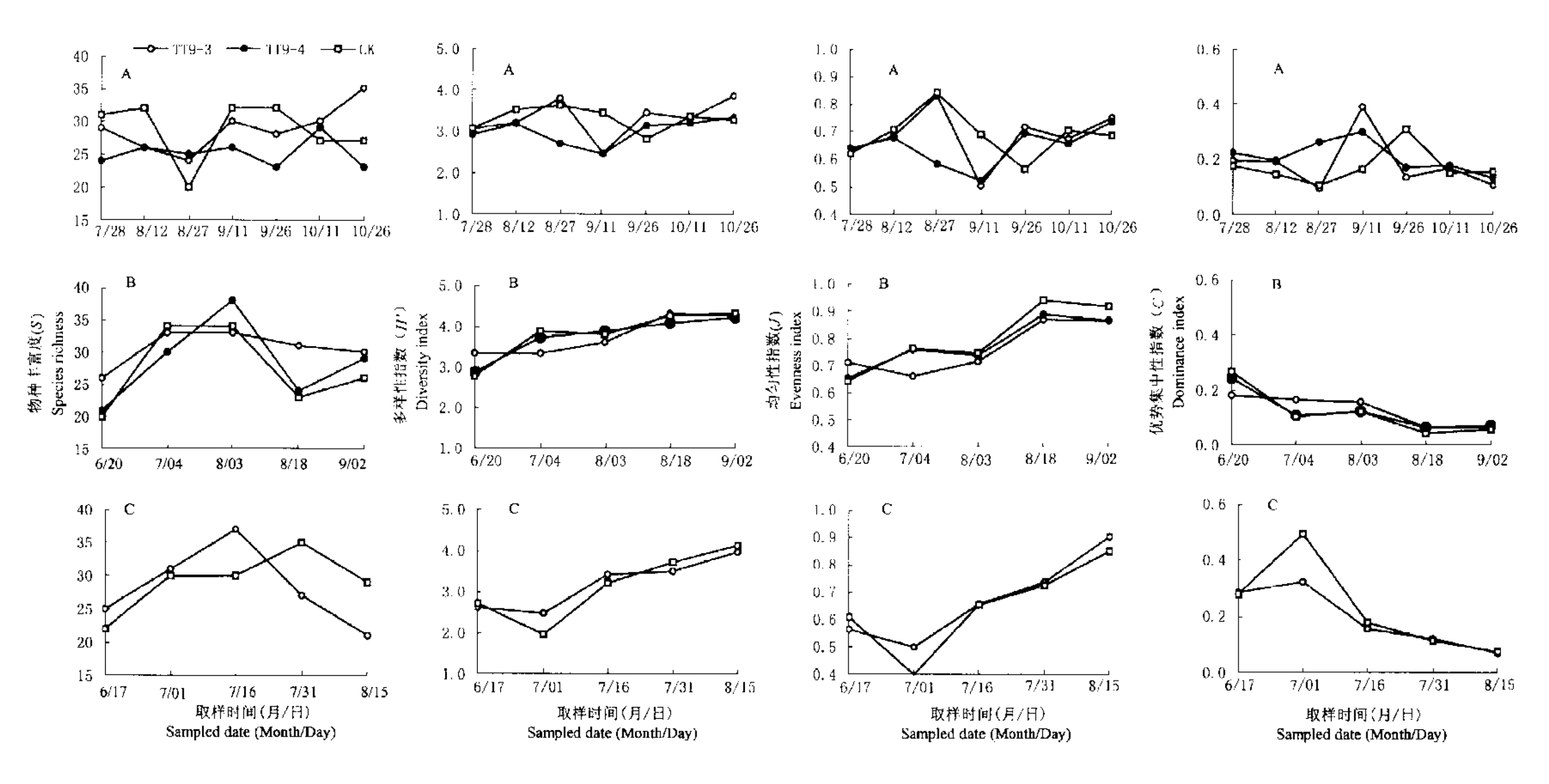


图 5　*Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物群落主要参数时间动态的比较(2000 年)

Fig.5　Temporal dynamics of main indices of arthropod community diversity in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots in 2000

A:杭州Ⅰ Hangzhou Ⅰ; B:杭州Ⅱ Hangzhou Ⅱ; C:安吉 Anji.

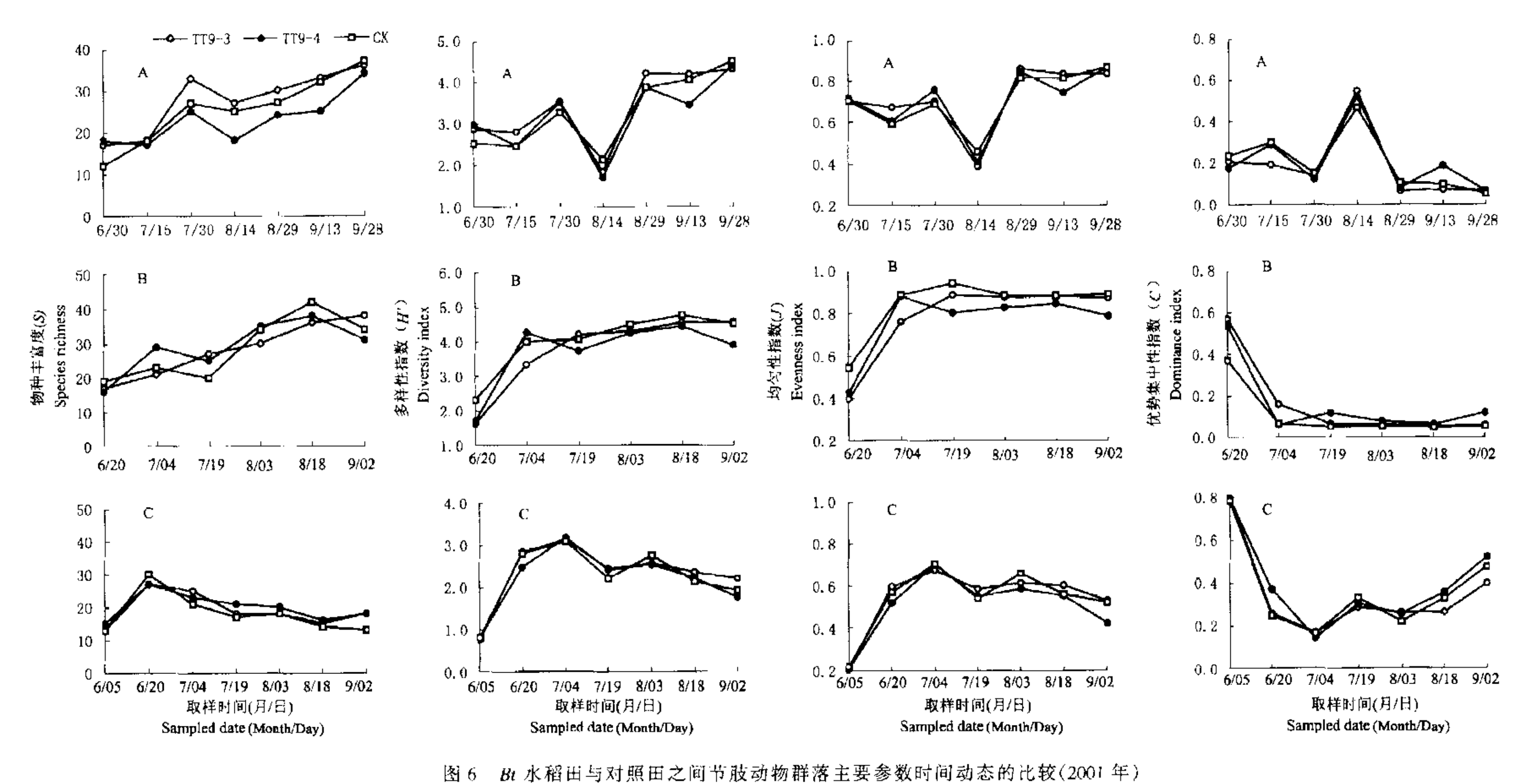


图 6 *Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物群落主要参数时间动态的比较(2001 年)

Fig.6 Temporal dynamics of main indices of arthropod community in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots in 2001

A:杭州Ⅰ Hangzhou Ⅰ; B:杭州Ⅱ Hangzhou Ⅱ; C:建德 Jiande.

表 3　*Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物功能团内优势科的优势度(%)比较

Table 3　Superior family dominance (%) in arthropod guilds in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots

科名	杭州Ⅱ HangzhouⅡ			建德 Jiande			安吉 Anji	
	TT9-3	TT9-4	CK	TT9-3	TT9-4	CK	TT9-3	CK
飞虱科 Delphacidae	17.27(7.54)	17.45(8.02)	18.23(8.17)	69.62	75.18	70.86	37.59	35.33
叶蝉科 Cicadellidae	48.96(1.95)	38.68(6.95)	42.61(3.17)	8.70	4.52	7.40	27.24	22.22
姬蜂科 Ichneumonidae	6.98(8.33)	15.71(0**)	8.54(13.16)	0*	5.00	11.11	1.19*	10.00
茧蜂科 Braconidae	12.79(5.56)	5.71*(1.47)	14.63(6.58)	50.00	60.00	50.00	33.33	20.00
金小蜂科 Pteromalidae	36.05(12.50)	24.29(16.18)	23.17(19.74)	0**	10.00*	22.22	5.95*	16.67
分盾细蜂科 Ceraphronidae	5.81(4.17)	10.00(7.36)	15.85(2.63)	8.33	0*	11.11	33.33	20.00
肖蛸科 Tetragnathidae	22.05(8.51)	24.39(10.54)	19.37(10.04)	50.46	48.23	56.11	44.65	43.12
狼蛛科 Lycosidae	6.67(23.05)	6.34(28.61)	5.76(26.51)	8.98	10.57	8.20	3.75	4.17
皿蛛科 Linyphiidae	8.72(1.77)	14.15(2.71)	16.23(2.03)	29.26	30.74	24.44	32.83	36.41
鳞跳虫科 Tomoceridae	19.48*(61.70)	18.75(67.90)	8.16(44.94)	5.04	11.34*	2.12	46.95	54.20
圆跳虫科 Sminthuridae	0(10.63)	1.56(4.94)	2.04(2.24)	73.38	63.92	86.17	42.72**	23.66
蠓科 Ceratopogonidae	58.44(17.02*)	67.19(9.88**)	76.53(34.83)	13.67	17.53	10.11	8.45*	19.08
蚊科 Culicidae	53.63(55.71)	44.60(70.13)	41.94(59.62)	19.14	21.42	23.69	30.40	17.57
摇蚊科 Chironomidae	42.05(38.57)	53.41(24.68)	54.17(40.38)	80.86	78.47	76.25	69.60	82.42

在杭州点Ⅱ，无括号和括号内数据分别系 2000 和 2001 年的调查结果。The data and those in brackets for Hangzhou Ⅱ were obtained from investigations in 2000 and 2001, respectively. *，** 示 TT9-3 或 TT9-4 与对照之间差异分别达显著($P<0.05$)或极显著差异($P<0.01$)(χ^2 检验)Showing significant differences between TT9-3 or TT9-4 and the control at $P<0.05$ and $P<0.01$, respectively (χ^2 test).

就 *Bt* 水稻品系田之间节肢动物群落的比较，两者的 Bray-Curtis 距离系数介于 *Bt* 水稻田与对照田之间或略高，如在杭州两试验点即如此（表 5）。建德点也是如此，TT9-3 田与 TT9-4 田之间植食类、寄生类和捕食类亚群落，及整个节肢动物群落的 Bray-Curtis 距离系数各为 0.13、0.32、0.14 和 0.09。这种差异可能与节肢动物在田块中分布不完全均一而导致取样误差有关。这从一个侧面也说明了 *Bt* 水稻田与对照田之间亚群落和整个群落相异性是较低的，所列的相异性可能在一定程度上是取样误差所致。

表 4　*Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物群落主要参数的比较

Table 4　Main indices of arthropod community diversity in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots

年份 Year	参数 Indices	杭州Ⅰ HangzhouⅠ			杭州Ⅱ HangzhouⅡ		
		TT9-3	TT9-4	CK	TT9-3	TT9-4	CK
2000	*S*	54	52	56	56	54	57
	H′	3.97	3.59	3.83	4.08	4.25	4.25
	J	0.69	0.63	0.66	0.70	0.74	0.73
	C	0.10	0.14	0.12	0.10	0.09	0.09
2001	*S*	56	53	57	57	57	58
	H′	3.69	3.56	3.63	4.46	4.45	4.62
	J	0.64	0.62	0.62	0.76	0.76	0.79
	C	0.16	0.18	0.17	0.11	0.09	0.09

表 5　*Bt* 水稻田与对照田之间节肢动物群落的 Bray-Curtis 距离系数

Table 5　Bray-Curtis distance indices between arthropod communities in *Bt* (TT9-3 and TT9-4) and control rice plots

亚群落/群落类型 Sub-community/community type	杭州Ⅰ HangzhouⅠ						杭州Ⅱ HangzhouⅡ					
	2000			2001			2000			2001		
	A	B	C	A	B	C	A	B	C	A	B	C
植食类 phytophages	0.32	0.20	0.18	0.14	0.04	0.15	0.17	0.10	0.22	0.13	0.15	0.16
寄生类 parasitoids	0.39	0.62	0.36	0.24	0.23	0.27	0.18	0.16	0.21	0.22	0.36	0.27
捕食类 predators	0.14	0.10	0.16	0.19	0.20	0.23	0.22	0.20	0.22	0.18	0.21	0.21
节肢动物 arthropods	0.25	0.18	0.16	0.17	0.10	0.19	0.17	0.11	0.18	0.17	0.20	0.20

A、B 示 TT9-3、TT9-4 的亚群落或群落分别与对照间的比较，C 示 TT9-3 与 TT9-4 间亚群落或群落的比较。A, B indicate the sub-communities or communities of TT9-3 and TT9-4 in comparison with those of the control, respectively. C indicates comparison between the sub-communities or communities of TT9-3 and those of TT9-4.

3 讨论

尽管稻田节肢动物种类和数量非常丰富，且有许多未知的种类，若将整个节肢动物群落划分为不同的功能团，并以此来探讨群落的结构和多样性变化，即可使复杂的网络结构简单化，不同类群间的关系更加明晰（郝树广等，1998）。因此，对稻田节肢动物群落结构的定量研究，国内外学者多采用分类单元（如科、属等）或生活习性将节肢动物归类成不同功能团而进行（郝树广等，1998；Heong *et al*.，1991；Schoenly *et al*.，1998）。为此，本文在参照前人工作的基础上将稻田节肢动物按营养关系划分为 5 个功能团，即植食类、寄生类、捕食类、腐食类和其它类群，以比较分析 *Bt* 水稻稻田生境内节肢动物群落与非转基因对照田的异同性，进而评价 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落的影响。

结果表明，尽管植食类、寄生类和腐食类功能团内某些优势科的优势度在 *Bt* 水稻田与对照田之间有时具显著或极显著差异，但 *Bt* 水稻田与对照田之间各功能团优势度、功能团内科组成及其优势度、群落参数（物种丰富度、Shannon-Wiener 多样性指数和均匀性指数、优势集中性指数）及其时间动态在大多情况下基本无明显差异；*Bt* 水稻田与对照田之间植食类、寄生类、捕食类亚群落和整个节肢动物群落的相异性较低。故可认为多数情况下 *Bt* 水稻对稻田节肢动物群落功能团组成与结构基本无明显的负面影响。其原因可能与稻田中 *Bt* 水稻的靶标害虫如螟蛾科和夜蛾科昆虫占植食类节肢动物功能团中的优势度较低而非靶标害虫如飞虱科、叶蝉科优势度明显较高有关。例如，两年四点调查结果表明，即使在对照田中螟蛾科成虫优势度也仅为 0～4.07%，夜蛾科成虫为 0.56%～8.19%，而对照田中飞虱科和叶蝉科优势度各为 8.17%～70.93%、3.17%～63.44%。正因如此，*Bt* 水稻对第二营养层靶标害虫及其天敌的作用在较大程度上被高优势度的第二营养层的非靶标害虫在节肢动物群落中的地位所弥补或掩盖，进而最终表现出对整个节肢动物群落基本无明显的负影响。这与 *Bt* 棉对昆虫群落、害虫和天敌亚群落有明显影响，即导致亚群落或群落结构不如非转基因常规棉稳定（崔金杰和夏敬源，2000）结果不同。造成这种差异的原因可能与 *Bt* 棉和 *Bt* 水稻对其非靶标害虫发生影响程度不一有关，其中 *Bt* 棉与非转基因常规棉相比，导致了棉蚜 *Aphis gossypii*、白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum*、棉叶蝉 *Empoasca biguttula*、棉盲蝽 *Lygus lucorum*、棉蓟马 *Thrips tabaci* 和朱砂叶螨 *Tetranychus cinnabrinus* 等 *Bt* 棉非靶标害虫发生明显加重（崔金杰和夏敬源，1998，2000），进而使得这些害虫的天敌种类或数量发生变化（崔金杰和夏敬源，2000）；而 *Bt* 水稻（TT9-3 和 TT9-4）除 2000 年在杭州点 I 的 TT9-3 上有引发飞虱和叶蝉优势度分别明显加重和减轻现象外，在其它试验中均未导致非靶标害虫优势度发生明显变化，且其整个生育期内白背飞虱和黑尾叶蝉成虫密度也与对照无显著的差异（刘志诚等，2002），因而对天敌种类或数量不会产生明显的影响。至于本文结果显示 *Bt* 水稻靶标害虫螟蛾科和夜蛾科优势度无明显变化，实际上是对成虫的作用而非对幼虫的作用，其原因一方面在于对照田靶标害虫成虫羽化后能随机扩散至 *Bt* 水稻田，而 *Bt* 水稻对这些成虫又无毒杀作用；另方面加之机动吸虫器仅能吸取鳞翅目昆虫的成虫而难以取到其幼虫。因此，就 *Bt* 水稻对靶标害虫幼虫的作用应采用人工采集或剥查方法进行调查，对此我们已作了研究，且证明 *Bt* 水稻对靶标害虫幼虫呈现高致死作用（Ye *et al*.，2001b）。

尽管 *Bt* 水稻田寄生蜂亚群落、寄生蜂功能团内科组成及其优势度分布与对照之间基本无明显的差异，但其优势科如姬蜂、茧蜂、金小蜂和分盾细蜂科的优势度与对照有时具明显差异，甚至显著低于对照。这与 *Bt* 棉（崔金杰和夏敬源，2000）和 *Bt* 玉米（Obrycki *et al*.，2001）分别导致棉铃虫 *Helicoverpa armigera*、玉米螟 *Ostrinia nubilalis* 的寄生蜂个体数减少的结果相似，其原因在于 *Bt* 杀虫蛋白对其靶标害虫的高效致死作用，使得其死亡先于寄生蜂完成发育之前。可见 *Bt* 作物对靶标害虫的寄生蜂尤其是单寄主的寄生蜂会有负作用。本文虽一定程度上能反映 *Bt* 水稻对某些优势寄生蜂有负作用，但因靶标害虫占整个节肢动物的比率较低，这样即使 *Bt* 水稻对其寄生蜂有影响，也易被其它非靶标害虫寄生蜂的高比率效应所掩盖。因此，*Bt* 水稻对各类寄生蜂影响的评价尚有待进一步深入，且宜对靶标害虫寄生蜂的优势种类从个体生长发育和种群动态角度作逐一评价分析。

此外，值得提出的是，本研究因生物安全管理的要求试验小区面积相对较小，可能易出现小区间节肢动物的相互扩散，进而造成试验误差，故条件许可时，还有必要扩大试验面积，以验证或完善本

文的有关评价结果。

参 考 文 献 （References）

Birch A N E, Geoghegan I E, Majerus M E N, McNicol J W, Hacket C A, Gatehouse A M R, Gatehouse J A, 1999. Tri-trophic interactions involving pest aphids, predatory 2-spot ladybird and transgenic potatoes expressing snowdrop lectin for aphid resistance. *Mol. Breed.*, 5 (1): 75 – 83.

Cui J J, Xia J Y, 1998. Effects of transgenic *Bt* cotton (with early maturity) on population dynamics of main pests and their natural enemies. *Acta Gossypii Sinica*, 10 (5): 255 – 262. [崔金杰，夏敬源，1998. 麦套夏播转 *Bt* 基因棉田主要害虫及其天敌的发生规律. 棉花学报，10 (5): 255 – 262]

Cui J J, Xia J Y, 2000. Effects of transgenic *Bt* cotton R93-6 on the insect community. *Acta Entomol. Sin.*, 43 (1): 43 – 51. [崔金杰，夏敬源，2000. 麦套夏播转 *Bt* 基因棉 R93-6 对昆虫群落的影响. 昆虫学报，43 (1): 43 – 51]

Datta K, Vasquez A, Tu J, Torrizo L, Alam M F, Oliva N, Abrigo E, Khush G S, Datta S K, 1998. Constitutive and tissue-specific differential expression of the *cryIA* (*b*) gene in transgenic rice plants conferring resistance to rice insect pests. *Theor. Appl. Genet.*, 97 (1/2): 20 – 30.

Deng S D, Xu J, Zhang Q W, Zhou S W, Xu G J, 2003. Effect of transgenic Bt cotton on population dynamics of non-target pests and natural enemies of pests. *Acta Entomol. Sin.*, 46 (1): 1 – 5. [邓曙东，徐静，张青文，周世文，徐冠军，2003. 转 Bt 基因棉对非靶标害虫及害虫天敌种群动态的影响. 昆虫学报，46 (1): 1 – 5]

Ding Y Q, 1994. Insect Mathematic Ecology. Beijing: Science Press. 426 – 475. [丁岩钦，1994. 昆虫数学生态学. 北京：科学出版社. 426 – 475]

Down R E, Louise F, Woodhouse S D, Raemaekers R J M, Leitch B, Gatehouse J A, Gatehouse A M R, 2000. Snowdrop lectin (GNA) has no acute toxic effects on a beneficial insect predator, the 2-spot ladybird (*Adalia bipunctat* L.). *J. Insect Physiol.*, 46 (4): 379 – 391.

Hao S G, Zhang X X, Chen X N, Luo Y J, Tian X Z, 1998. The dynamics of biodiversity and the composition of nutrition classes and dominant guilds of arthropod community in paddy field. *Acta Entomol. Sin.*, 41 (4): 343 – 353. [郝树广，张孝羲，程遐年，罗跃进，田学志，1998. 稻田节肢动物群落营养层及优势功能集团的组成与多样性动态. 昆虫学报，41 (4): 343 – 353]

Heong K L, Aquino G B, Barrion A T, 1991. Arthropod community structures of rice ecosystems in the Philippines. *Bull. Entomol. Res.*, 81 (4): 407 – 416.

Herdit R W, 1991. Research priorities for rice biotechnology. In: Khush G S, Toenniessen G H eds. Rice Biotechnology. Wallingford: CAB International. 19 – 54.

Jin P H, 1993. Medical Statistical Methods. Shanghai: Shanghai Medical University Press. 235 – 238. [金丕焕，1993. 医用统计方法. 上海：上海医科大学出版社. 235 – 238]

Liu Z C, Ye G Y, Hu C, Datta S K, 2002. Effect of transgenic *Bt* rice on population dynamics of main non-target insect pests and dominant spider species in rice paddies. *Acta Phytophylacica Sinica*, 29 (2): 138 – 144. [刘志诚，叶恭银，胡萃，S. K. Datta，2002. *Bt* 水稻对主要非靶标害虫和蜘蛛优势种田间种群动态的影响. 植物保护学报，29 (2): 138 – 144]

Liu Y F, Zhang G R, Gu D X, 1999. Application of insect collector improved for studying arthropod populations. *Plant Protection*, 25 (6): 39 – 40. [刘雨芳，张古忍，古德祥，1999. 利用改装的吸虫器研究稻田节肢动物群落. 植物保护，25 (6): 39 – 40]

Obrycki J J, Losey J E, Taylor O R, Jesse L A C, 2001. Transgenic insecticidal corn: Beyond insecticidal toxicity to ecological complexity. *Bioscience*, 51 (5): 353 – 361.

Riddick E W, Barbosa P, 1998. Impact of *Cry3A*-intoxicated *Leptinotarsa decelineata* (Coleoptera: Chrysomelidae) and pollen on consumption, development, and fecundity of *Coleomegilla maculata* (Coleoptera: Coccinellidae). *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 91 (3): 303 – 307.

Schoenly K J, Justo H D J, Barrion A T, Harris M K, Bottrell D G, 1998. Analysis of invertebrate biodiversity in a Philippine farmer's irrigated rice field. *Environm. Entomol.*, 27 (5): 1 125 – 1 136.

Shu Q Y, Ye G Y, Cui H R, Cheng X Y, Xiang Y B, Wu D X, Gao M, Xia Y W, Hu C, Sardana R, Altosaar I, 2000. Transgenic rice plants with a synthetic *cry*1*Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* were highly resistant to eight lepidopteran rice pest species. *Mol. Breed.*, 6 (4): 433 – 439.

Tang Q Y, Feng M G, 1997. DPS© Data Processing System for Practical Statistics. Beijing: China Agricultural Press. 108 – 125. [唐启义，冯明光，1997. 实用统计分析及其计算机处理平台. 北京：中国农业出版社. 108 – 125]

Tu J, Datta K, Alam M F, Fan Y, Khush G S, Datta S K, 1998. Expression and function of a hybrid *Bt* toxin gene in transgenic rice conferring resistance to insect pests. *Plant Biotechnol.*, 15 (4): 195 – 203.

Tu J, Zhang G, Datta K, Xu C, He Y, Zhang Q, Khush G S, Datta S K, 2000. Field performance of transgenic elite commercial hybrid rice expressing *Bacillus thuringiensis* δ-endotoxin. *Nature Biotechnol.*, 18 (10): 1 101 – 1 104.

Wilson F D, 1992. Resistance of cotton lines containing a *Bacillus thuringiensis* toxin to pink bollworm and other insects. *J. Econ. Entomol.*, 85 (4): 1 516 – 1 521.

Ye G Y, Hu C, Shu Q Y, 1998. The development of transgenic rice resistant to insect pests and its wise and sustainable use. In: Chen J A, Zhou W J eds. Agricultural Development and Research in the 21st Century. Beijing: China Environmental Science Press. 406 – 414. [叶恭银，胡萃，舒庆尧，1998. 转基因抗虫水稻的转育及其合理持续利用. 见：程家安，周伟军 主编. 世纪农业发展与研究. 北京：中国环境科学出版社. 406-414]

Ye G Y, Shu Q Y, Yao H W, Cui H R, Cheng X Y, Hu C, Xia Y W, Gao M, Altosaar I, 2001a. Field resistance evaluation of transgenic rice containing a synthetic *cry*1*Ab* gene from *Bacillus thuringiensis* Berliner to two stem borers. *J. Econ. Entomol.*, 94 (1): 271 – 276.

Ye G Y, Tu J, Hu C, Datta K, Datta S K, 2001b. Transgenic IR72 with fused *Bt* gene *cry*1*Ab*/*cry*1*Ac* from *Bacillus thuringiensis* is resistant against four lepidopteran species under field conditions. *Plant Biotechnol.*, 18 (2): 125 – 133.